

CARNE BOVINA EN MÉXICO: CANTIDAD, CALIDAD, LA PERSPECTIVA GENÉTICA Y LA PROMESA GENÓMICA

[BEEF IN MEXICO: QUANTITY, QUALITY, THE GENETIC PERSPECTIVE AND THE GENOMIC PROMISE]

Gaspar Manuel Parra-Bracamonte^{1§}, José Fernando Vázquez-Armijo², Nicolás López-Villalobos^{2,3}, Juan Carlos Martínez-González⁴, Juan Gabriel Magaña-Monforte⁵

¹Instituto Politécnico Nacional, Centro de Biotecnología Genómica. Reynosa, Tamaulipas, México

²Universidad Autónoma del Estado de México, Campus UAEM Temascaltepec. Temascaltepec, Estado de México, México. ³Massey University, School of Agriculture and Environment. New Zeland.

⁴Universidad Autónoma de Tamaulipas, Facultad de Ingeniería y Ciencias. Ciudad Victoria, Tamaulipas, México. ⁵Universidad Autónoma de Yucatán, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Mérida, Yucatán, México. §Autor para correspondencia: (gparra@ipn.mx).

RESUMEN

La industria de la carne en México ha crecido significativamente en los últimos años, mientras que la producción y las exportaciones se han incrementado a pesar de que el consumo interno ha disminuido. Sin embargo, el público mexicano no tiene una correcta apreciación de la calidad de la carne y por consiguiente no se logra incentivar el consumo de la carne. Las estrategias genéticas y genómicas pueden mejorar esta necesidad. El presente trabajo describe la situación en cuanto a la perspectiva genética actual en México y aborda el potencial uso de biotecnologías genómicas que aún figuran como una promesa para el sector de producción de carne bovina en el país, haciendo énfasis en tres estrategias con mayor utilidad a corto y mediano plazo.

Palabras clave: Canal, carne bovina, evaluaciones genéticas, genómica.

ABSTRACT

The beef industry in Mexico has significantly growth during the last decade. Beef production and exports has grown while domestic consumption has slightly reduced. The implementation of correct appreciation and classification of beef quality might incentivize consumption through fair prices. Genetic and genomic strategies could help in the improvement and alleviation of this need. The present work is intended on describing the current genetic perspective on beef production and present the potential using of genomic biotechnologies that are yet a promise for the beef production sector, making an emphasis on three main strategies with short and medium term benefit.

Key words: Beef, carcass, genetic evaluations, genomics.

INTRODUCCIÓN

México posee un territorio de 196.4 millones de hectáreas y aproximadamente el 56% es utilizado en la ganadería (Peel *et al.*, 2010). Los sistemas y cadenas de producción varían de acuerdo a las regiones geográficas y la disponibilidad de recursos, infraestructura, urbanización y mercados (Peel *et al.*, 2010). La industria de la carne bovina se localiza en todas las regiones agroecológicas de México (Parra-Bracamonte *et al.*, 2015a; Peel, 2005).

La industria de producción de carne en México ha crecido significativamente durante la última década y actualmente consiste en 32 millones de cabezas, con alrededor de 17 millones de vacas que producen

alrededor de 8.1 millones de becerros (FAS-USDA, 2020; Peel, 2018; Parra-Bracamonte *et al.*, 2020). Durante el 2020 se calcula que la producción de carne bovina será de alrededor de 2.06 millones de toneladas (FAS-USDA, 2020), con la producción doméstica reemplazando gradualmente las importaciones en la última década (Figura 1) mientras las exportaciones incrementaron sostenidamente hasta las 360 mil toneladas en 2020 (FAS-USDA, 2020). Actualmente, más del 80% de las exportaciones son destinadas a los Estados Unidos. Sin embargo, los ganaderos mexicanos están explorando otros mercados de exportación como Rusia, China y el Medio Oriente (Peel, 2018; SAGARPA, 2018). Aproximadamente, el 80% de la carne producida en México es consumida domésticamente. Sin embargo, el consumo *per capita* ha experimentado una reducción de 16.8% durante la última década (Williams y Anderson, 2020). En 2020 el consumo *per capita* reportado para México fue de 9.167 kg (OECD, 2020). No hay información sobre el consumo estatal de carne, pero algunas evidencias indican que existe gran variación. Por ejemplo, un consumo de 19 kg se reporta para el estado de Puebla (Jaramillo, *et al.*, 2018) y 30 kg para el estado de Nuevo León (AEGBN, 2018).

Se ha puntualizado la necesidad de incentivar el consumo de carne bovina que en general es la más popular para el consumidor mexicano en comparación con carne de cerdo o pollo (INEGI, 2016).

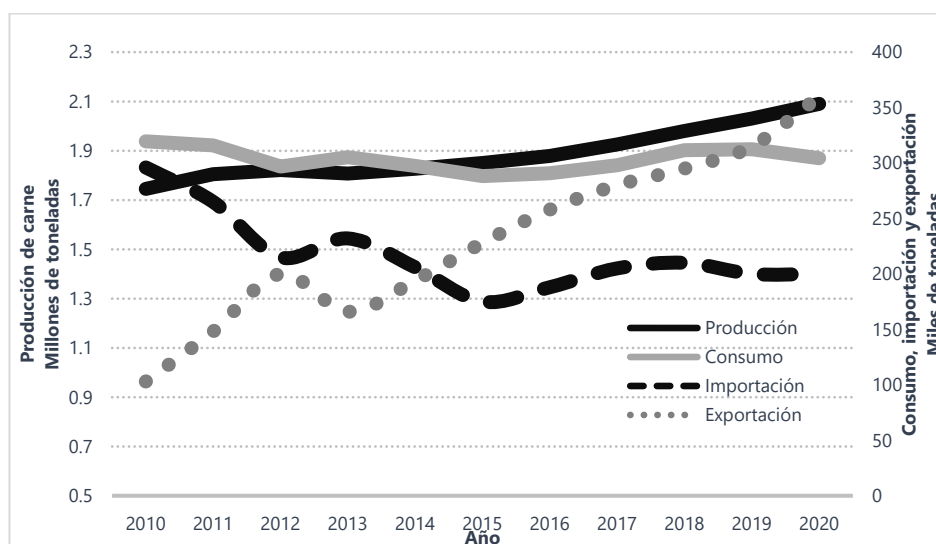


Figura 1. Producción, consumo, importación y exportación de carne bovina de 2010 a 2020 en México. (Fuente: FAS-USDA, 2020; OECD, 2020).

Algunos estudios revelan que el 80% de los consumidores incluyen la carne bovina en su dieta al menos una vez a la semana y que el ingreso o el nivel socioeconómico influye directamente la cantidad y el tipo de carne adquirida (Huerta-Sanabria *et al.*, 2015; Nuñez-Lopez *et al.*, 2012; Taddei *et al.*, 2012; Nuñez *et al.*, 2010). Se ha sugerido que es importante la atención sobre este problema, y que la correcta apreciación sobre la calidad de la carne podría afectar favorablemente los precios de la carne y por ende su consumo (Parra-Bracamonte *et al.*, 2020). En este sentido algunas estrategias genéticas y genómicas pueden coadyuvar para procurar una mejor clasificación de la calidad de la carne. El presente trabajo describe la situación en cuanto a la perspectiva genética actual en México y aborda el potencial uso de tecnologías genómicas que aún figuran como una promesa para el sector de producción de carne bovina en el país, haciendo énfasis en tres estrategias con mayor utilidad a corto y mediano plazo.

La perspectiva genética

El mejoramiento genético por definición es el proceso que involucra el reconocimiento de la variabilidad genética existente en una característica de interés económico dentro de una población para distinguir y seleccionar a aquellos individuos que por su potencial genético pueden producir un cambio o progreso genético en un sentido favorable (Parra-Bracamonte y Sifuentes-Rincón, 2012). Para el establecimiento de un programa de mejoramiento genético, básicamente se requiere establecer el o los objetivo(s) de crianza o selección, que generalmente están relacionados a los caracteres o rasgos que pueden ser cuantificados para obtener la información que ayude a distinguir dentro de la población a aquellos individuos que por su desempeño y/o el de su progenie tengan la mayor probabilidad de transmitir la característica con lo que el promedio en algunas generaciones representaría el logro del objetivo planteado relacionada directamente, por lo general, a una ganancia económica para el ganadero.

Puesto que el fenotipo bajo condiciones de producción extensiva, prevalente en la mayoría de los sistemas de producción bovina para carne, es un predictor imperfecto del potencial genético de los individuos. Debido a la influencia ambiental, que en algunas características es significativa para lograr la identificación de aquellos individuos superiores genéticamente. Para después emplear estrategias (estadísticas) de análisis de datos que aíslan el componente genético en forma de un valor que representa “la mejor combinación de efectos genéticos transmisibles” para la o las características en cuestión. Tradicionalmente, la implementación de la metodología de los modelos mixtos facilitó la predicción de estos valores genéticos que de acuerdo a la cantidad y calidad de los datos analizados posibilitan la generación de resultados confiables y robustos que son utilizados como herramientas de selección. De esta forma, los valores genéticos esperados (VGEs) y las diferencias esperadas en la progenie (DEPs), fueron consolidándose como las herramientas tradicionales para ayudar a la selección, sobre todo en características de fácil medición.

Actualmente, todas las Asociaciones Ganaderas nacionales poseen de alguna manera las predicciones de VGEs o DEPs de sus animales, al menos para características de nacimiento y crecimiento. Con base en estos caracteres, se esperaría que las ganancias genéticas deberían ser importantes después de que un período razonable de generaciones para algunas razas (al menos dos generaciones). Se debe considerar que el índice de herencia (h^2) de las características sea moderadamente alto (≥ 0.30). Sin embargo, las tendencias genéticas en la mayoría de las razas no muestran un cambio sustancial en la ganancia genética para los caracteres de crecimiento, lo que puede atribuirse a un inadecuado empleo de las herramientas de selección y mejoramiento disponibles (Parra-Bracamonte *et al.*, 2007b).

En México, el uso de las DEPs ha sido parcialmente aplicado a pesar de su disponibilidad, pero existen ganaderos que las utilizan rutinaria y objetivamente, así como también otros que los consideran prescindibles y prefieren el uso del patrón racial como principal criterio de selección. A pesar de ello, Parra-Bracamonte *et al.* (2016), reportaron que el cambio genético cuando se utilizan las DEPs en la selección, no solamente produce substanciales ganancias por año en características importantes de peso vivo, sino también que es posible seleccionar características con correlaciones genéticas negativas, como menor peso al nacimiento y mayor peso al destete y el año, sobre todo en aquellas razas en las que se busca evitar problemas al parto (distocias).

Si el método de evaluación genética para caracteres de calidad de la canal y de la carne fuera posible en las condiciones actuales de México, sería posible el mejoramiento del peso vivo. Reverter *et al.* (2003) reportaron los h^2 de diferentes características de peso vivo, canal y calidad de la carne en razas europeas y tropicales (Cebú), indicando la suficiencia de variabilidad genética que puede ser aprovechada en estas características (≥ 0.30), excepto en caracteres como la suavidad de la carne, cuyo h^2 en ganado cebú es moderada ($\cong 0.30$), no así en razas europeas, en las cuales es más bajo (≤ 0.18). Haciendo un ejercicio de simulación, considerando las correlaciones genéticas reportadas por Reverter *et al.* (2003), para ilustrar el

posible efecto de la selección del único criterio posible en México (Peso vivo), se podría predecir que el peso en canal es la única característica en la cual se podría tener un cambio positivo debido a la alta correlación genética entre el peso vivo y el peso en canal (0.82-0.89). Sin embargo, características de rendimiento, área del ojo de la chuleta, grasa intramuscular e incluso suavidad de la carne, existen correlaciones genéticas muy bajas e incluso negativas con el peso vivo, de tal manera que sin los datos de clasificación y medición de estas características no existe posibilidad de mejoramiento genético a pesar de que las herramientas genéticas sean efectivas y confiables. Entonces se podría sugerir que a pesar de que las evaluaciones genéticas son ya una realidad para la ganadería de carne en México, los fenotipos disponibles son pocos y las DEPs no son extensivamente utilizadas.

Por otro lado, las evidencias teóricas indican que a pesar de que el progreso genético es posible para características de calidad de canal y de la carne, la nula disponibilidad de fenotipos en las razas mexicanas, limita su implementación. Adicionalmente, con el peso vivo, haciendo uso de las correlaciones genéticas la única característica que puede ser mejorada es el peso en canal, lo que hace necesaria la búsqueda de otras alternativas, como las estrategias genómicas.

La promesa genómica

El desarrollo en el conocimiento de la información codificada en una secuencia de ácido desoxirribonucleico (ADN) contenido en el núcleo de todas las células y organizado en los cromosomas dio origen a la genómica, una sub-disciplina de la genética que comprende la caracterización y el estudio integral del funcionamiento, evolutivo y origen de los genomas (Cañón, 2009). Cada genoma contiene las instrucciones básicas para construir la vida y los procesos que rigen la biología de los organismos, los cuales se hayan fundamentalmente codificados en cuatro nucleótidos: adenina, guanina, citosina y timina. En los aproximadamente 3 millones de pares de bases a lo largo del genoma se encuentran las instrucciones para la síntesis de proteínas, algunas de las cuales juegan un papel vital dentro de la fisiología de la producción y reproducción animal y para la generación de proteínas que constituyen la alimentación humana, como la leche y la carne (Parra-Bracamonte y Sifuentes-Rincón, 2012).

Con la generación de nueva información, esta ciencia emergente coadyuve a la distinción de nuevas y poderosas fuentes de variación, intrínseca y específica que derivó en la innovación y desarrollo de nuevas estrategias para el manejo de las poblaciones animales. El desarrollo de estas estrategias, ha sido acelerado y ha ido a la par del desarrollo de los llamados marcadores genéticos, sitios de variación a lo largo del genoma. Tres de las mayores utilidades de estos marcadores genéticos son la identificación genética, los estudios de diversidad o estructura genética, y la más importante para la mejora de caracteres de canal y calidad de la carne, la selección (y manejo) asistido por marcadores.

Identificación genética

La identificación genética se refiere a la implementación de la información genómica en la asignación o verificación de las relaciones filiales en las poblaciones de ganado bovino. En este sentido, Sifuentes-Rincón *et al.* (2006), analizaron la importancia de la asignación de paternidad en un hato de ganado Charolais de pie de cría manejado bajo empadre múltiple, y encontraron un 24% de asignaciones erróneas de paternidad. Complementariamente, los autores aplicaron un modelo animal para la comparación de valores y parámetros genéticos como son las diferencias esperadas de la progenie (DEPs), y encontraron que existe una marcada diferencia en el ordenamiento de los sementales verificados cuando se comparan las DEPs de becerros con paternidad asignada mediante el uso de marcadores moleculares y la asignación al azar (simulando la asignación fenotípica). Esto apoyaba fuertemente la necesidad de verificar el pedigrí, sobre todo en reproductores seleccionados para ser subastados en programas gubernamentales de mejoramiento genético, los cuales pueden alcanzar precios muy importantes; por lo que un registro erróneo puede estar condicionado por el sistema de manejo que limita el correcto establecimiento de la genealogía. Otro estudio reportado en

México (Arellano-Vera *et al.*, 2009), corroboró esta problemática al evaluar en un hato de ganado Braford de registro, la asignación de progenitores, encontrando un 90% error en la asignación de padres y madres; concluyendo que el uso de la asignación de paternidad para verificar la estructura genealógica (paternidad y maternidad) de hatos cuya certeza en el pedigrí es crítica para el mejoramiento genético de su raza, y en donde el sistema de manejo extensivo y empadre múltiple limitan el registro adecuado de la pro genie al momento del parto es muy necesario.

Recientemente, en el Laboratorio de Biotecnología Animal del Centro de Biotecnología Genómica del Instituto Politécnico Nacional, han identificado en una población de ganado Charolais un 4% de errores de asignación de paternidad y hatos que poseen errores de asignación hasta en un 17 % (Sifuentes-Rincón *et al.*, 2015). Este procedimiento actualmente es realizado mediante un panel de marcadores tipo polimorfismo de nucleótido simple (SNPs) que posee mayor precisión y confiabilidad. Las implicaciones de estos errores de asignación fueron indicados por Sifuentes-Rincón *et al.* (2006) y Arellano-Vera *et al.* (2009). En general, las principales consecuencias de estos errores pueden estar relacionadas a la sobre calificación de sementales, toretes o vaquillas en subastas o ventas cuando las transacciones están sustentadas en la información genealógica. Además, de presentar sesgos implícitos en las evaluaciones genéticas al incluir información errónea de las relaciones de parentesco, lo que en consecuencia producirá un cambio en la calificación de los animales. Por tal motivo, la observación y atención objetiva de este problema está aún pendiente en la mayoría de las Asociaciones de Criadores.

Estudios de diversidad y estructura genética

Sifuentes-Rincón *et al.* (2007) realizaron un estudio sobre la diversidad genética en poblaciones de ganado Charolais de diferentes localidades del norte de México. Este trabajo fue realizado utilizando un panel de marcadores genéticos del tipo microsatélite. En este estudio se estimó significativamente por primera vez la divergencia de dos grupos en las poblaciones estudiadas y su relación directa con su origen genético. La raza Charolais también se ha distinguido por ser portadora de algunas de muchas mutaciones presentes en razas taurinas vinculadas con la condición de doble musculatura. La mutación principal es conocida como Q204X cuya presencia inactiva la regulación del crecimiento muscular y por lo tanto produce hipertrofia muscular conocida también como doble musculatura. Aunque en otros tiempos esta condición pudo haber sido considerada totalmente inútil y problemática, actualmente el conocimiento de esta condición genética es conocida por sus beneficios en el rendimiento, suavidad y conformación de los animales portadores. Sifuentes-Rincón *et al.* (2015), reportaron que la frecuencia del alelo asociado a la doble musculatura en la raza Charolais de México sigue un patrón dependiente del origen del material genético de importación para mejorar los hatos. Debido a que actualmente el diagnóstico molecular para esta condición genética está al alcance de los productores, es posible la implementación de estrategias para su manejo conveniente.

Recientemente, como parte de un estudio realizado en el Centro de Biotecnología Genómica del Instituto Politécnico Nacional, utilizando un arreglo de más de 77,000 SNPs, corroboró la existencia de estructura genética divergente entre hatos que mantienen un flujo genético con orígenes diferentes. El estudio incluyó hatos del noreste y noroeste de México y un total de 855 animales. El análisis consideró la estimación de componentes principales basado en las distancias genéticas a partir de la información de los SNP. El estudio demostró dos componentes diferenciados entre una subpoblación que incluyó los hatos del Noreste, con más afinidad al flujo genético de línea Europea, diferenciado de la subpoblación del Noroeste con mayor flujo genético de línea Americana. Aunque esta divergencia genética no implica o estima el grado de diferencia fenotípica, específicamente productiva, sí se puede inferir un proceso de diferenciación genética, lo que puede entenderse como el proceso de fijación de genes diferentes en ambas subpoblaciones, lo que a la postre podría determinar la consolidación de líneas que comparten un patrón racial determinado. Las implicaciones en la generación de líneas genéticas dentro de una raza desde el punto de vista comercial pueden ser aprovechadas para diferentes nichos de producción dependientes del objetivo de selección.

Selección asistida por marcadores

La selección asistida por marcadores moleculares (SAM) es el proceso de usar los marcadores genéticos para asistir la selección de los progenitores de las siguientes generaciones en un programa de mejoramiento genético (Van Eeneennam, 2010). Es importante considerar que este procedimiento tiene mayor potencial para características con bajo índice de herencia (características en las que la medición individual es predictor inexacto debido a la alta influencia ambiental), difíciles o costosas de medir (por ejemplo resistencia a enfermedades), que no se pueden medir hasta que el animal ha contribuido con la siguiente generación (longevidad reproductiva), que no son seleccionadas debido a que rutinariamente no son medidas (características de la canal como suavidad), y que son características correlacionadas con otras que no se quieren mejorar (los marcadores asociados con aumento en el marmoleo, usualmente no se asocian con grosor de grasa dorsal) (Van Eeenennaam, 2010). En este sentido la mayor utilidad de esta estrategia se obtiene en su implementación para características como la calidad de la canal y de la carne.

La búsqueda de variaciones genómicas que ayuden a explicar el valor genético, fue posible al implementar la naturaleza de los marcadores genéticos que ayudaron primariamente a la identificación de regiones o fragmentos en el genoma asociados a las características cuantitativas. Estos llamados loci de características cuantitativas (QTLs), abrieron la posibilidad de entender la variación genética de las diferentes características de importancia económica en la ganadería, y con eso coadyuvar al mejoramiento genético. Actualmente, la base de datos de QTLs bovino, reporta 15039, 1201, 156 y 124 QTLs para crecimiento, composición de ácidos grasos, calidad de la canal, color de la grasa y carne, respectivamente (QTLdb Release 38, agosto 27, 2020; Zhi-Liang *et al.*, 2019). La disponibilidad de arreglos de alta densidad de marcadores genéticos del tipo polimorfismo de nucleótido simple (SNPs) ha ayudado a cambiar la conceptualización en la dimensión de QTL a QTN o nucleótido de característica cuantitativa, haciendo alusión al efecto de una sola variante directa o indirectamente relacionada con la característica cuantitativa. Los microarreglos de alta densidad de SNPs han sido aprovechados para el estudio a escala de genoma completo lo que sin duda ha incrementado significativamente el hallazgo de QTLs que también ayudarían a describir la arquitectura genética de los caracteres de importancia y sobre todo a incrementar la varianza genética para maximizar el cambio genético de las poblaciones.

En ciertas ocasiones el efecto genómico de los polimorfismos identificados es substancial y explica una gran proporción de la variación del fenotipo estudiado. Dos ejemplos que ilustran el posible estado del arte de la selección asistida por marcadores para los caracteres de calidad de la canal y de la carne son la miostatina (MSTN) y el complejo calpaína (CAPN)-Calpastatina (CAST) (Torres-Rodríguez *et al.*, 2015). Uno de los primeros genes estudiados en México, fue la MSTN o Factor 8 de diferenciación celular (GDF8) que es un regulador negativo del crecimiento muscular. Los efectos de algunas variantes alélicas de MSTN se han reportado como desfavorables en su condición homocigótica en razas cárnicas (Parra-Bracamonte *et al.*, 2007a; Bellinge *et al.*, 2005; Lightner, 2005), pero también se ha puntualizado su gran potencial en cuanto a la producción de músculo en su condición heterocigótica (Keele y Fahrenkurug, 2001). Sifuentes Rincón *et al.* (2006, 2007), optimizaron la técnica de análisis de la variante Q204X y reportaron por primera vez su frecuencia en hatos ganaderos de la raza Charolais del Noreste de México. De manera general, encontraron que la frecuencia del alelo Q204X era de poco menos de 3%. Sin embargo, la prevalencia encontrada de portadores heterocigotos fue de casi un 9%, lo que confiere relevancia al hecho de segregación del alelo. En el mismo sentido, Parra-Bracamonte *et al.* (2009), analizaron las frecuencias de esta variante en animales Charolais sometidos a prueba de comportamiento productivo y candidatos a sementales encontrando que la prevalencia del alelo no es diferente a estudios previos (3%, de portadores heterocigotos). Posteriormente, Arellano-Vera *et al.* (2011), encontraron la segregación de la mutación en ganado Charbray en un 6% (Cuadro 1). Ensayos más recientes han corroborado la presencia de la mutación en ganado de registro en México (Sifuentes-Rincón *et al.*, 2015).

La evidencia, para varias características de producción indica en diferentes razas y cruces portadores, que al menos una copia mh produce mayor producción de carne en canal, mayor crecimiento al destete y al año (Phocas, 2009; Casas *et al.*, 2004), llegando a observarse un efecto dominante en los animales heterocigotos. Recientemente, un estudio en animales Charolais apoyó la importancia de esta mutación en animales heterocigotos, reportando un efecto significativo en el aumento del rendimiento y masa muscular, disminución de colágeno en carne y un aumento de la suavidad de la carne, a expensas de la disminución de grasa intramuscular y el sabor de la carne (Allais *et al.*, 2010).

Cuadro 1. Frecuencias genotípicas y alélicas de la mutación Q204X del gen de la Miostatina en ganado Charolais y Charbray mexicano.

Frecuencias genotípicas			$f_{(mh)}$	Raza	Referencia
+/+	+/mh	mh/mh			
0.98	0.02	0.00	0.02	Charolais	Sifuentes <i>et al.</i> (2007)
0.92	0.08	0.00	0.04	Charolais	Sifuentes <i>et al.</i> (2007)
0.91	0.09	0.00	0.05	Charolais	Sifuentes <i>et al.</i> (2007)
0.97	0.03	0.00	0.01	Charolais	Sifuentes <i>et al.</i> (2007)
0.95	0.05	0.00	0.03	Charolais*	Sifuentes <i>et al.</i> (2007)
0.95	0.05	0.00	0.03	Charolais	Parra-Bracamonte <i>et al.</i> (2009)
0.88	0.12	0.00	0.06	Charbray	Arellano-Vera <i>et al.</i> (2011)
-	-	-	0.05	Charolais**	Sifuentes-Rincón <i>et al.</i> (2015)

*Promedio de cuatro hatos del Noreste de México.

**Noreste 8.6 a 14.4%

La validación del efecto de la MSTN en razas como la Charolais que es naturalmente portadora podría abrir nichos de comercialización que pueden ser altamente beneficiosos sobre todo considerando el potencial mayor rendimiento en canal y el efecto en la suavidad de la carne. Por otro lado, la evidencia científica apoya que, en su conjunto, este complejo proteolítico CAPN-CAST (de promoción e inhibición entre Calpaína y Calpastatina, respectivamente) el cual tiene un efecto muy importante sobre la fuerza de corte de la carne bovina en maduración, principalmente entre los 14 y 21 días después del sacrificio. En nuestro país, los estudios que se han realizado en el gen de la Calpaína en diferentes razas bovinas han confirmado la prevalencia de alelos favorables en razas continentales y la baja frecuencia de los alelos favorables en razas de trasfondo genético Cebú (Parra-Bracamonte *et al.*, 2015b (Cuadro 2).

Por otro lado en uno de los pocos estudios realizados en México, Rubio-Lozano *et al.* (2016) analizaron el efecto de estos polimorfismos (CAPN-CAST) sobre la carne comercial y encontraron, por una parte que el trasfondo genético de origen de la carne estaba asociados a la frecuencia de alelos favorables, y por otro, que significativamente el efecto provisto por estos alelos favorables de los polimorfismos de la CAPN disminuyen 239 g de la fuerza de corte de Warner Bratzler en carne bovina comercial (Figura 2). Estos resultados tienen implicaciones importantes debido a la posibilidad de dirigir la clasificación de cortes específicos con base a este criterio validado significativamente. Sin embargo, la adecuación de ciertas limitantes en el pago garantizado por calidad de la carne sería necesaria para la exitosa implementación de esta estrategia.

Cuadro 2. Frecuencias genotípicas y alélicas en marcadores del gen de la Calpaína en estudios con razas bovinas de México. Frecuencias de genotipos no favorables a suavidad en negritas. *Frecuencia de alelo favorable.

CAPN4751					CAPN316					Raza
Genotipos			Alelos		Genotipos			Alelos		
CC	CT	TT	C*	T	CC	CG	GG	C*	G	
0.00	0.99	0.01	0.49	0.51	0.00	0.92	0.08	0.46	0.54	Brahman ¹
0.00	0.15	0.84	0.08	0.92	0.02	0.01	0.97	0.03	0.97	Brahman ²
0.00	0.17	0.83	0.09	0.91	0.00	0.00	1.00	0.00	1.00	Gyr ²
0.00	0.05	0.95	0.02	0.98	0.00	0.00	1.00	0.00	1.00	Guzerat ²
0.00	0.08	0.92	0.04	0.96	0.00	0.00	1.00	0.00	1.00	Indubrasil ²
0.00	0.16	0.84	0.08	0.92	0.01	0.00	0.99	0.01	0.99	Sardo Negro ²

C = calpaína; T = calpainina; *Variante favorable. ¹Parra-Bracamonte *et al.* (2007); ²Parra-Bracamonte *et al.* (2015).

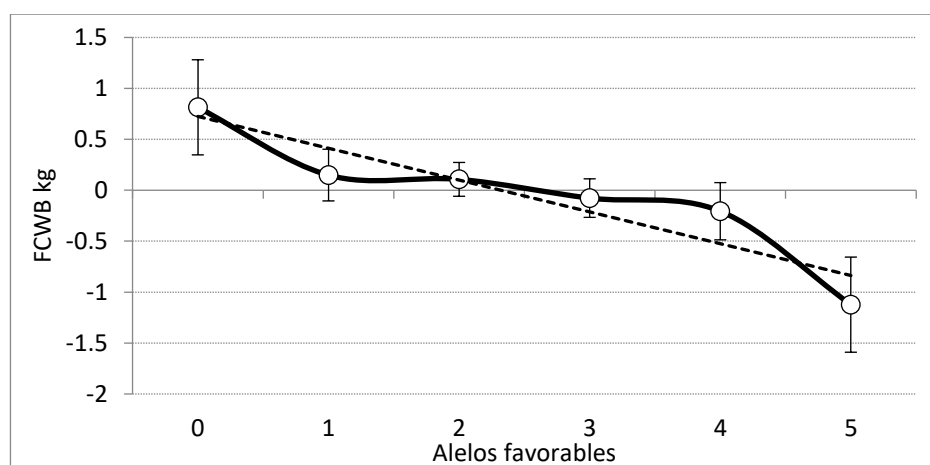


Figura 2. Efecto de las copias favorables de los genes del complejo Calpaína-Calpastatia sobre la reducción de la fuerza de corte de Warner Bratzler (FCWB, kg residuales) de carne bovina comercial (Fuente: Rubio-Lozano *et al.*, 2016).

COMENTARIOS FINALES

La carne bovina es quizás la más apreciada para el consumidor mexicano. México ha experimentado un crecimiento substancial de la producción de carne y esto se ha debido principalmente al aumento (no organizado) en la cantidad. Debido a que el 80 % del consumo es doméstico, se le debe dar mayor atención. Hay muchas oportunidades para el mejoramiento de la industria mediante la implementación efectiva de herramientas genéticas y genómicas. El uso de las evaluaciones genéticas es limitada para caracteres de calidad de la canal y la carne puesto que no hay disponibilidad de fenotipos y el peso vivo no se correlaciona genéticamente con estas características. Las estrategias genómicas ofrecen ciertas ventajas para el

mejoramiento de caracteres de calidad de la carne, y existen ejemplos como la Miostatina y el complejo Calpaína-Calpastatina que aún no han sido explorados convenientemente.

AGRADECIMIENTOS

El primer autor quiere agradecer a la Secretaría de Investigación y Posgrado del Instituto Politécnico Nacional por el apoyo a través del proyecto SIP20200216.

LITERATURA CITADA

- Asociación de Engordadores de Ganado Bovino del Noreste (AEGBN). 2018. Asociación de engordadores de ganado bovino del noreste. <https://www.milenio.com/estados/regios-consumen-37-kilos-carne-ano-asociacion>.
- Allais, S., H. Levéziel, N. Payet-Duprat, J. F. Hocquette, J. Lepetit, S. Rousset & G. Renand. 2010. The two mutations, Q204X and nt821, of the myostatin gene affect carcass and meat quality in young heterozygous bulls of French beef breeds. *Journal of Animal Science* 88(2): 446-454. <https://doi.org/10.2527/jas.2009-2385>.
- Arellano-Vera, W., M.C.Y. Muñoz, R.X.F. De la Rosa, B.L.A. López, B.G.M. Parra & A.M. Sifuentes. 2011. Identificación de la variante Q204X en ganado Charbray en prueba de comportamiento. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias* 2(2): 193-198. <file:///C:/juan%20carlos/Downloads/art6.pdf>.
- Arellano-Vera, W., A.M. Sifuentes-Rincón, R. Garcidueñas-Piña & G.M. Parra-Bracamonte. 2009. Importancia de la verificación-asignación de progenitores en sistemas extensivos de pie de cría. *Revista Científica FCV-LUZ* 20(1): 53-60. <https://produccioncientificaluz.org/index.php/cientifica/article/view/15525/15499>.
- Bellinge, R.H.S., D.A. Liberles, S.P.A. Iaschi, P.A. O'Brien & G. Tay. 2005. Myostatin and its implications on animal breeding: a review. *Animal Genetics* 36(1): 1-6. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2004.01229.x>.
- Cañón, J. 2006. Utilización de información molecular en programas de mejoramiento animal. *Revista Corpoica-Ciencia y Tecnología Agropecuaria* 7(1): 5-15. https://doi.org/10.21930/rcta.vol7_num1_art:54.
- Casas, E., Bennet, G.L., Smith, T.P.L. and L.V. Cundiff. 2004. Association of myostatin on early calf mortality, growth and carcass composition traits in crossbreed cattle. *Journal of Animal Science* 82:2913-2929. <https://doi.org/10.2527/2004.82102913x>.
- Foreign Agricultural Service (FAS). United States Department of Agriculture (FAS-USDA). 2020. Livestock and poultry world market and trade, foreign agriculture service, United States Department of Agriculture, April. 17 p. https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/livestock_poultry.pdf.
- Huerta-Sanabria, S., O.A. Arana-Coronado & M. Sagarnaga-Villegas. 2015. Nuevas tendencias del consumidor rural de cárnicos. In: Vázquez, B. A. C., B. R. Valverde, A. C. Vargas & J. R. Juárez (Eds.). *Estudios Socioeconómicos y Ambientales de la Ganadería*. pp: 211-230. México: Colegio de Postgraduados.
- Instituto Nacional de Estadística, Geografía e Informática (INEGI). 2016. Encuesta Nacional de Ingresos y Gastos de los Hogares 2016 (ENIGH) [sitio de internet]. México: INEGI, 2005. <http://www.beta.inegi.org.mx/programas/enigh/nc/2016/>.
- Jaramillo, V.J.L., L.S. Vargas & J. L. A. Rojas. 2018. Valoración contingente y disponibilidad a pagar por atributos intangibles en carne de bovino. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias* 9(1): 14-31. <http://dx.doi.org/10.22319/rmcp.v9i1.4376>.
- Keele, J. W. & S. C. Fahrenkrug. 2001. Optimum mating systems for the myostatin locus in cattle. *Journal of Animal Science* 79: 2016-2022. <https://pubag.nal.usda.gov/download/13682/PDF>.
- Lightner, J.K. 2005. Mutations, selection and the quest for meatier livestock. *TJ* 19(1): 18-20. https://creation.com/images/pdfs/tj/j19_2/j19_2_18-20.pdf.

- Núñez, L.J.J., G.J.A. Ortega, Z.M. Soto & A.M.D.L. Rodríguez. 2010. Factores socioeconómicos que determinan el consumo de carne de bovino en dos ciudades de Chihuahua. *Tecnociencia* IV(3): 142-153. <https://vocero.uach.mx/index.php/tecnociencia/article/view/710>.
- Núñez-Lopez, J.J., J.A. Ortega-Gutierrez, M. Soto-Zapata, M D L. Rodríguez-Aguilar, M.E.J. Magaña & T.L.P. Licon. 2012. Factores socioeconómicos y culturales que determinan el consumo de carne de bovino en Ciudad Juárez, Chihuahua. *Revista Mexicana de Agronegocios* 31(1): 74-85. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=14123108001>.
- Organisation for Economic Cooperation and Development (OECD). 2020. Meat consumption (indicator). <https://doi:10.1787/fa290fd0-en>.
- Parra-Bracamonte G.M., A.M. Sifuentes-Rincón, J.C. Martínez-Gonzalez, J.G. Magaña-Monforte & F.J. Jahuey-Martínez. 2015a. Biotecnologías para el desarrollo de los sistemas pecuarios: aspectos aplicados a la ganadería bovina para carne. In: R. Núñez D., R. Ramírez V., S. Fernández R., O. Araujo F., M. García W. & T.E. Díaz M. (Eds.). *La ganadería en América Latina y el Caribe: alternativas para la producción competitiva, sustentable e incluyente de alimentos de origen animal*. pp. 391-416.
- Parra-Bracamonte, G.M. & A.M. Sifuentes-Rincón. 2012. Mejoramiento genético asistido para características reproductivas de animales domésticos. En *Compendio de Conferencias Magistrales*. Universidad Autónoma del Estado de México, Centro Universitario Temascaltepec. Temascaltepec, Edo. de México. 4 y 5 de octubre de 2012. pp. 5-16.
- Parra-Bracamonte, G.M., A.M. Sifuentes-Rincón, W. Arellano-Vera, A. Almanza-González & X.F. De la Rosa-Reyna. 2009. Tipificación de tres marcadores genéticos de caracteres de importancia comercial en ganado Charolais: implicaciones en la ganadería para carne en México. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias* 22(3): 257-266. <https://revistas.udea.edu.co/index.php/rccp/article/view/324452/20781626>.
- Parra-Bracamonte, G M., A.M. Sifuentes-Rincón. J.C. Martínez-González, E. Cienfuegos-Rivas & A. Tewolde. 2007a. Polimorfismo en el gen de la μ -Calpaína en ganado Brahman de registro de México. *Archivos Latinoamericanos de Producción Animal* 15(1): 33-38. https://ojs.alpa.uy/index.php/ojs_files/article/view/536/436.
- Parra-Bracamonte, G.M., J.C. Martínez-González, A.M. Sifuentes-Rincón, V.R. Moreno-Medina & E. Ortega-Rivas. 2015b. Meat tenderness genetic polymorphisms occurrence and distribution in five Zebu breeds in Mexico. *Electronic Journal of Biotechnology* 18: 365-367. <https://doi.org/10.1016/j.ejbt.2015.07.002>.
- Parra-Bracamonte, G.M., J.C. Martínez-González, F.J. García-Esquivel, A. González-Reyna, F. Briones-Encinia y E.G. Cienfuegos-Rivas. 2007b. Tendencias genéticas y fenotípicas de crecimiento en el ganado Brahman de registro de México. *Revista Científica* XVII (3): 262-267. <http://www.geocities.com/atiliojose2/arti-7-32007.pdf>. http://www.serbi.luz.edu.ve/scielo.php?pid=S0798-22592007006000008&script=sci_arttext&tlng=es
- Parra-Bracamonte, G.M., N. Lopez-Villalobos, S.T. Morris & J.F. Vázquez-Armijo. 2020. An overview on production, consumer perspectives and quality assurance schemes of beef in Mexico. *Meat Science* 170: 108239. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2020.108239>.
- Parra-Bracamonte, G.M., N. Lopez-Villalobos, S.T. Morris, A.M. Sifuentes-Rincón & L.A. Lopez-Bustamante. 2016. Genetic trends for live weight traits reflect breeding strategies in registered Charolais Farms in Mexico. *Tropical Animal Health and Production* 48(8): 1729-1738. <https://link.springer.com/article/10.1007/s11250-016-1150-2>.
- Peel, D.S. 2005. The Mexican cattle and beef industry: demand, production, and trade. *Western Economics Forum* 4: 1-14. <https://core.ac.uk/download/pdf/6995827.pdf>.
- Peel, D.S. 2018. Growth and change in the Mexican cattle and beef industry. *Feedlot* 26: 1-8. https://www.wlj.net/top_headlines/growth-and-change-in-the-mexican-cattle-and-beef-industry/article_9a10b148-2c4f-11e8-bc54-67cb8fbb7331.html.

- Peel, D.S., R. Johnson & K. Mathews. 2010. Cow-calf beef production in Mexico. ERS, USDA. https://www.ers.usda.gov/webdocs/publications/37412/8057_ldpm19601.pdf?v=41056.
- Phocas, F. 2009. Genetic analysis of breeding traits in a Charolais cattle population segregating an inactive myostatin allele. *Journal of Animal Science*, 87(6): 1865-1871. <https://doi.org/10.2527/jas.2008-1426>.
- Reverter, A., D.J. Johnston, D.M. Ferguson, D. Perry, M.E. Goddard, H.M. Burrow & B.M. Bindon. 2003. Genetic and phenotypic characterisation of animal, carcass, and meat quality traits from temperate and tropically adapted beef breeds. 4. Correlations among animal, carcass, and meat quality traits. *Australian Journal of Agricultural Research* 54(2): 149-158. <https://doi.org/10.1071/AR02088>.
- Rubio-Lozano, M.S., S. Alfaro-Zavala, A.M. Sifuentes-Rincón, G.M. Parra-Bracamonte, D. Braña-Varela, R.D.M. Medina, C. Pérez-Linares, F. Ríos-Rincón, A. Sánchez-Escalante, G. Torrescano-Urrutia & F. Figueroa-Saavedra. 2016. Meat tenderness genetic and genomic variation sources in commercial beef cattle. *Journal of Food Quality* 39: 150-156. <https://doi.org/10.1111/jfq.12185>.
- Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (SAGARPA). 2018. Reporte del mercado de carne de bovino. Agencia de Servicios a la Comercialización y Desarrollo de Mercados Agropecuarios. Centro de Información de Mercados Agropecuarios. https://www.cima.aserca.gob.mx/work/models/cima/pdf/cadena/2018/Reporte_mercado_bovino_200618.pdf.
- Sifuentes-Rincón, A. M., G.M. Parra-Bracamonte, X.F. De la Rosa Reyna, A.S. Varela, F.S. Medina & A.J. Rosales. 2006. Importancia de las pruebas de paternidad basadas en microsatélites para la evaluación genética de ganado de carne en empadre múltiple. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias* 44(3): 389-398. <https://cienciaspecuarias.inifap.gob.mx/index.php/Pecuarias/article/view/1732/1726>.
- Sifuentes-Rincón, A.M., W.A. Vera, G.M. Parra Bracamonte, P. Ambriz Morales & L.A. López Bustamante. 2015. Loci asociados con enfermedades genéticas y calidad de carne en bovinos Charolais mexicanos. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias* 6(4): 361-375. <https://cienciaspecuarias.inifap.gob.mx/index.php/Pecuarias/article/view/4098/3408>.
- Sifuentes-Rincón, A.M., H. Puentes-Montiel & G.M. Parra-Bracamonte. 2007. Assessment of genetic structure in Mexican charolais herds using microsatellite markers. *Electronic Journal of Biotechnology* 10(4): 492-499. https://scielo.conicyt.cl/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0717-34582007000400002&lng=es&tlng=en.
- Taddei, C., M. Preciado, J. Robles & C. Garza. 2012. Patrones de consumo de carne en el noroeste de México. *Estudios Sociales, Revista de Alimentación Contemporánea y Desarrollo Regional*, 2: 74-96. https://www.ciad.mx/archivos/revista-dr/RES_ESP2/RES_Especial_2_04_Taddei.pdf.
- Torres-Rodríguez, P.V., J.A. Aranguren-Méndez, M.G. Portillo-Ríos, I.M. Rojas & R. Chango-Oduber. 2015. Estudio de los polimorfismos CAPN316, CAPN4751 y CAST2959: relación con la ternera de la carne en el ganado criollo limonero. *Revista Científica XXV* (3): 232-238. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=95939206007>.
- Van Eenennaam, A. 2010. DNA-based biotechnologies. *Beef Sire Selection Manual*. 2nd Ed. National Beef Evaluation Consortium. pp. 68-84. https://www.nbcec.org/producers/sire_selection/manual.pdf
- Williams, G.W. and D.P. Anderson. 2020. The Latin American Livestock Industry: Growth and Challenges. *Choices* 34: 1-11. <http://www.choicesmagazine.org/choices-magazine/submitted-articles/the-latin-american-livestock-industry-growth-and-challenges>.
- Zhi-Liang H., C.A. Park & J.M. Reecy. 2019. Building a livestock genetic and genomic information knowledgebase through integrative developments of Animal QTLdb and CorrDB. *Nucleic Acids Research* 47(D1): D701–D710. <https://doi.org/10.1093/nar/gky1084>.